

Abstract in Czech

Díky svým charakteristikám jsou žáby rodu *Xenopus* velmi užitečným modelem pro velké množství studií. Díky velké rozmanitosti v polyploidii u různých žab jsou velmi dobrým modelem pro studii cytogenetiky a evoluční analýzu. Tento projekt se zabývá evoluční dynamikou chromozomálních přestaveb v rámci rodiny Pipidae, zaměřující se především na členy rodu *Xenopus*, *Silurana* a *Hymenochirus*. Zaměřili jsme se na stadium morfologie chromozomů a přestaveb u alotetraploidní žáby, *Xenopus calcaratus*, odhalující změny v rámci jejích dvou subgenomů. Subgenom "a" je více konzervovaný, oproti subgenomu "b", který se vyvíjel rychleji. Specifická chromozomální translokace pozorovaná u *X. mellotropicalis*, ale ne u *X. calcaratus*, zdůrazňuje rozdíly v chromozomálních přestavbách mezi těmito druhy. Navrhli jsme scénář, že jediná alotetraploidizační událost vedla ke vzniku *X. mellotropicalis*, *X. epitropicalis* a *X. calcaratus*, přičemž k translokaci došlo po divergenci *X. calcaratus*, ale předspecií *X. mellotropicalis* a *X. epitropicalis*. Další scénář zahrnuje dvě nezávislé události alotetraploidizace.

Dále jsme se zaměřili na role polyploidizačních událostí a divergence ve vývoji repetitivních sekvencí u šesti druhů afrických drápatých žab. Kombinací cytogenetických a genomických analýz jsme namapovali U1 a U2, malé jaderné RNA, a histon H3 u obou alotetraploidních druhů. Výsledky ukázaly konzervovanost těchto prvků u diploidních a tetraploidních druhů z podrodu *Silurana*, zatímco v rámci alotetraploidních druhů z podrodu *Xenopus* byly pozorovány rozdíly. Tato zjištění naznačují, že polyploidizace zpočátku duplikuje tandemové repetyce, ale jejich počet kopií se může v průběhu času měnit v důsledku redukce a expanze.

Předběžná analýza genomu *X. borealis* odhalila přibližně 4-6% rozdíly mezi jeho dvěma subgenomy, což poskytuje počáteční poznatky pro budoucí výzkum. Navíc jsme zjistili, že *Hymenochirus boettgeri* z Konga je tetraploidní, s významnými rozdíly od diploidních populací v zajetí. To naznačuje potřebu dalšího výzkumu k objasnění taxonomie a evoluční historie rodu *Hymenochirus*. Navrhujeme rozlišit populaci v zajetí jako *Hymenochirus* sp. oproti divoké populaci, která si ponechá jméno *H. boettgeri*.